

Els isards, com més diversos més sans

11/2012 - Ciència Animal. Un nou pestivirus ha afectat a les poblacions d'isard dels Pirineus catalans, causant mortalitats que arriben, en ocasions, al 80%. Investigadors de la UAB han analitzat el gen del complex MHC de 81 isards provinents de diferents Reserves Nacionals de Caça, del Cadí a la Cerdanya-Alt Urgell, per establir la relació entre la variabilitat genètica i l'impacte de la malaltia. En general, els isards afectats tenien menys diversitat genètica que els isards sans. Així, juntament amb altres factors immunològics, epidemiològics i ecològics, la variabilitat genètica ha de ser valorada quan s'estudien les infeccions víriques a les poblacions d'ungulats salvatges.



L'isard pirinenc (*Rupicapra pyrenaica pyrenaica*) és un ungulat de muntanya que habita als Pirineus. Les seves poblacions es regulen mitjançant la caça i es veuen afectades per diverses malalties, com ara la queratoconjuntivitis i la pestivirosi de l'isard, causada per un virus similar al de la malaltia de la frontera de les ovelles. Aquesta darrera malaltia ha delmat la població d'isards del Pirineu català als darrers anys, causant mortalitats d'entre el 40 i el 85%.

El complex major d'histocompatibilitat (MHC) és un marcador sensible de la variabilitat genètica de les poblacions, i el seu estudi pot ajudar a entendre com evolucionen les poblacions d'isard de les diferents zones dels Pirineus catalans davant l'aïllament relatiu i les malalties.

En aquest estudi vàrem analitzar l'exó 2 del gen DRB del MHC de classe II de 81 isards pirinencs provinents de les Reserves Nacionals de Caça (RNC) de Cadí, Alt Pallars-Aran, Freser-Setcases i Cerdanya-Alt Urgell. Es van identificar 29 haplotips, dels quals 26 es descrivien per primera vegada. La variabilitat genètica va ser major a la RNC de Freser-Setcases que a la de Cadí, i els isards afectats per pestivirus tenien en conjunt menys variabilitat genètica que els isards sans. Curiosament, a la RNC de Freser-Setcases no s'ha registrat mortalitat relacionada amb la pestivirosi de l'isard, tot i que s'hi ha trobat el pestivirus que la provoca. Potser la major variabilitat genètica d'aquesta RNC podria explicar la resistència d'aquesta població d'isards a aquesta malaltia, juntament amb altres factors immunològics, epidemiològics i ecològics.

Aquest estudi va comptar amb el suport del projecte de recerca CGL 2009-11631, del Ministerio de Ciencia e Innovación, i de la Direcció General del Medi Natural i Biodiversitat del Departament d'Agricultura, Ramaderia, Pesca, Alimentació i Medi Natural de la Generalitat de Catalunya.

Jorge Ramón López Olvera

Departament de Medicina i Cirurgia Animals

Cavallero S, Marco I, Lavín S, D'Amelio S, López-Olvera JR. "Polymorphisms at MHC class II DRB1 exon 2 locus in Pyrenean chamois (*Rupicapra pyrenaica pyrenaica*)" *Infect Genet Evol.* 2012 Jul;12(5):1020-6.